

Институт биологии южных морей имени А. О. Ковалевского РАН

PONTUS EUXINUS
ПОНТ ЭВКСИНСКИЙ : XI



ПОНТ ЭВКСИНСКИЙ – 2019

XI Всероссийская научно-практическая конференция для молодых
учёных по проблемам водных экосистем,

посвященная памяти д.б.н., проф. С. Б. Гулина

Материалы конференции

Севастополь, 23–27 сентября 2019 г.

Севастополь
ФИЦ ИнБЮМ

2019

Дальневосточный трепанг (*Apostichopus japonicus*) издавна является объектом промысла и пользуется большим спросом в странах АТР.

В настоящее время имеется множество работ о распространении, биологии и запасах этого объекта [1,2], однако сведений о локальных скоплениях и численности его молоди на полях анфельции мало.

Известно, что поля анфельции являются своего рода инкубатором молоди трепанга. Переплетенные дерновины, имеющие огромную относительную поверхность около 15 м²/кг сырой массы, создают малькам надежное укрытие, а осажженная в них взвесь служит им пищей. Тем не менее наиболее плотные поселения молоди трепанга были отмечены лишь на небольших локальных участках, приуроченных к периферийным зонам полей, тогда как на обширных площадях численность голотурий была весьма невысока.

Наличие трепанга на полях анфельции в разные годы отмечали Микулич Л.В. (1960), Брегман Ю.Э. (1971), Богданова Л.Г. (1973), Надточий В.А., Кобликов В.Н. (1981) и др. Тем не менее данные о пространственном распределении и численности молоди в пластах этой водоросли носили лишь фрагментарный характер. Необходимость учета этих показателей была обусловлена разработкой комплексной рациональной эксплуатации запасов анфельции.

По результатам исследования были сделаны следующие выводы:

1. Количество особей трепанга в 1 кг анфельции зависит от плотности анфельции на участке: в 2015 г. количество молоди в 1 кг анфельции составило 5,5 экз./кг, в 2016 г. - 7,4 экз./кг, а в 2017 г. - 6,0 экз./кг.

2. Площадь участка локализации изменяется за счет сжатия или растяжения поля под воздействием гидродинамических нагрузок: в 2015 г. составляла 120 га - 26,3 % от всей площади поля; в 2016 г. - 114 га - 29,6 %; в 2017 г. 151 га - 35,7 %.

3. Плотность молоди трепанга на участке локализации зависит от плотности (рыхлости) пласта.

4. Средний вес особей изменялся незначительно: в 2015 г. составил 10,5 г, в 2016 г. - 11,0 г, в 2017 г. - 10,8 г.

5. В скоплении доминируют особи от 5 до 40 г.

6. Численность молоди трепанга на участке локализации составляла: в 2015 г. - 23,76 млн. экз., в 2016 г. - 42,5 млн. экз., в 2017 г. - 31,8 млн. экз.

7. Рациональный подход к проблеме сохранения молоди трепанга на анфельции позволит реально увеличить его численность в заливе Петра Великого.

Работа выполнена при поддержке Студенческого гранта Дальрыбвтуза.

Список литературы

1. Левин В. С. Дальневосточный трепанг. Санкт-Петербург : Голанд, 2000. 199 с.
2. Лавин П. И., Чернышев В. Д. Расчеты скорости фотосинтеза морской промысловой водоросли *Ahnfeltia tobuchiensis* // Оперативные информационные материалы. Иркутск, 1977. С. 28–29.

ЭВОЛЮЦИЯ КОРОТКИХ ТАНДЕМНЫХ ПОВТОРОВ: СЛУЧАЙ ЗОЛОТОЙ РЫБКИ (*CARASSIUS AURATUS*)

Орлов М.А., Тихонов А.Ю.

Институт биофизики клетки РАН, г. Пущино

Ключевые слова: короткие tandemные повторы, SSR, Cyprinidae, рыбоводство

Короткие tandemные повторы ДНК (short sequence repeats, SSRs) представляют собой короткие участки нуклеотидной последовательности, которые повторяются от

нескольких до десятков и более раз. К ним относятся также различающиеся по числу тандемные повторы (Variable Number Tandem Repeats), которые могут иметь различную протяженность у близких организмов. Ранее было показано, что в кодирующих активно отбираемый в ходе селекции признак генах длина SSR может коррелировать (в том числе количественно) с выраженностью кодируемого признака [1]. При исследовании данного вопроса особый интерес представляют виды, подвергавшиеся длительному селекционному отбору по нескольким возможно более простым признакам (например, декоративность). Особенно удачным объектом может стать золотая рыбка (*Carassius auratus*), прошедшее многовековую племенную работу с целью выведения форм с определенной окраской и формой тела. В данной работе с целью исследовать SSR генома *C. auratus* проанализирован набор наибольших по длине участков повторов (свыше 60 п.о.) из базы данных FishMicrosat [2]. Для *C. auratus* таких повторов описано 14, хотя в геноме родственного дикого вида *Carassius carassius* SSR длиннее 58 п.о. отсутствуют. При анализе первичной структуры набора из 14 наиболее длинных повторов установлено их статистически значимое обеднение цитозином (C), не выявленные при рассмотрении полного набора SSR для данного вида. При этом GC-состав обеих совокупностей совпадает и примерно равен 0.4. Согласно поиску с помощью BLAST [3], среди рассмотренных содержащих SSR последовательностей значительная часть содержит последовательности с высокой степенью гомологии к ДНК *Cyprinus carpio* (сазан, карп обыкновенный), включая имеющие идентичность и покрытие, близкие к 100%. Две области являются точными копиями SSR-содержащих областей *Carassius gibelio* (серебряный карась), одна представляет собой результат непосредственного объединения участков ДНК из *Cyprinus carpio* и *Carassius gibelio*. В некоторых из таких последовательностей область наиболее протяженных тандемных повторов в геноме *C. auratus* содержит точные повторяющиеся единицы, в то время как их близкие гомологи у *C. gibelio* приобрели заметные изменения. Данный процесс может быть связан с активным отбором по кодируемым соответствующими генами признаками в случае *C. auratus*, но не *C. gibelio*. Все описанное соответствует сложной картине гибридизации представителей семейства Cyprinidae, для которых известно образование межвидовых гибридов, включая полиплоидные (вплоть до пентаплоидных) и образованные одновременно двумя или тремя видами из списка *Carassius auratus*, *Carassius carassius* и *Cyprinus carpio* [3].

Список литературы

1. Fondon J. W., Garner H. R. Molecular origins of rapid and continuous morphological evolution // PNAS. 2004. Vol. 101, no. 52. P. 18058–18063. <https://doi.org/10.1073/pnas.0408118101>
2. Nagpure N. S., Rashid I., Pati R. et al. FishMicrosat: a microsatellite database of commercially important fishes and shellfishes of the Indian subcontinent // BMC Genomics. 2013. Vol. 14. Article no. 630. [10 p.]. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-630>
3. The National Center for Biotechnology Information [Electronic resource]. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov> (accessed 31.05.19).